

Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2.2e-285;  
Matches 1065; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
OY 1 ATGACAACTCTAGATGATGAGACCTTTGGTACCAATCTCTATGATGACG 60
  |||
DB 1 ATGACAACTCTAGATGATGAGACCTTTGGTACCAATCTCTATGATGACG 60
OY 61 GGCCTGCTCTGTGAAGAAAGCTGATACAGAGCATGATGGCCAGTTTGGCCCGCTG 120
  |||
DB 61 GGCCTGCTCTGTGAAGAAAGCTGATACAGAGCATGATGGCCAGTTTGGCCCGCTG 120
OY 121 TACTCCCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 180
  |||
DB 121 TACTCCCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 180
OY 181 AAATACAGAGGCTCGAATTTATGACAAATCATCTACCTGACCTGACCTGACCTG 240
  |||
DB 181 AAATACAGAGGCTCGAATTTATGACAAATCATCTACCTGACCTGACCTGACCTG 240
OY 241 CTGCTCTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 300
  |||
DB 241 CTGCTCTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 300
OY 301 TTTGGCCATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 360
  |||
DB 301 TTTGGCCATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 360
OY 361 ATCTTTTCTATATCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 420
  |||
DB 361 ATCTTTTCTATATCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 420
OY 421 GGCCTTCTGAGCCCGGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 480
  |||
DB 421 GGCCTTCTGAGCCCGGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 480
OY 481 GAGAGCTGAGAGCTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 540
  |||
DB 481 GAGAGCTGAGAGCTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 540
OY 541 ACTCTTCTGAGCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 600
  |||
DB 541 ACTCTTCTGAGCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 600
OY 601 CTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 660
  |||
DB 601 CTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 660
OY 661 GGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 720
  |||
DB 661 GGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 720
OY 721 ATTTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780
  |||
DB 721 ATTTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780
OY 781 CTCTCTCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 840
  |||
DB 781 CTCTCTCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 840
OY 841 CTGCTCTCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 900
  |||
DB 841 CTGCTCTCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 900
OY 901 TACGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 960
  |||
DB 901 TACGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 960
OY 961 CTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1020
  |||
DB 961 CTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1020
OY 1021 TCTGCTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1065
  |||
DB 1021 TCTGCTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1065
```

DB 1021 TCTGCTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1065

## SEQUENCE USM PARISON

```
RESULT 2
US-08-575-967A-3
Sequence 3, Application US/08575967A
Patent No. 6265184
GENERAL INFORMATION:
Applicant: Gray et al.
TITLE OF INVENTION: Chemokine Receptor Materials and Methods
NUMBER OF SEQUENCES: 16
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESS: Marshall, O'Toole, Gerstein, Murray & Borun
STREET: 6300 Sears Tower, 233 S. Wacker Drive
CITY: Chicago
STATE: Illinois
COUNTRY: USA
ZIP: 60606
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.30
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/575,967A
FILING DATE:
CLASSIFICATION: 435
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: No. 6265184 and, Greta E.
REGISTRATION NUMBER: 35,302
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 32918
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 206-485-1900
TELEFAX: 206-485-1662
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 3:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 1915 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: CDNA
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: 362..1426
FEATURE:
NAME/KEY: misc_feature
OTHER INFORMATION: /- "88-2B polynucleotide and amino acid
US-08-575-967A-3
```

Query Match 100.0%; Score 1065; DB 4; Length 1915;  
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2.7e-285;  
Matches 1065; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
OY 1 ATGACAACTCTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 60
  |||
DB 362 ATGACAACTCTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 421
OY 61 GGCCTGCTCTGTGAAGAAAGCTGATACAGAGCATGATGGCCAGTTTGGCCCGCTG 120
  |||
DB 422 GGCCTGCTCTGTGAAGAAAGCTGATACAGAGCATGATGGCCAGTTTGGCCCGCTG 481
OY 121 TACTCCCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 180
  |||
DB 482 TACTCCCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 541
OY 181 AAATACAGAGGCTCGAATTTATGACAAATCATCTACCTGACCTGACCTGACCTG 240
  |||
DB 542 AAATACAGAGGCTCGAATTTATGACAAATCATCTACCTGACCTGACCTGACCTG 601
OY 241 CTGCTCTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 300
  |||
DB 602 CTGCTCTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 661
```

961  
1021 TC  
Feb 24 17:31:53 2003

us-09-922-895-2.rni

QY 301 TTGGCCATGGCATGTGAAGCTCTCCAGGGTTTATACACAGAGCTGTACAGCGAG 360  
DB 662 TTGGCCATGGCATGTGAAGCTCTCCAGGGTTTATACACAGAGCTGTACAGCGAG 721  
QY 361 ATCTTTTATATATCTCTGTGCAATTCACAGAGTACCTGGCCATGTGTCTGTGT 420  
DB 722 ATCTTTTATATATCTCTGTGCAATTCACAGAGTACCTGGCCATGTGTCTGTGT 781  
QY 421 GCCCTTCGAGCCGGAGCTGCTATTTGGTGTATACACAGAGTACCTGGCCCTG 480  
DB 782 GCCCTTCGAGCCGGAGCTGCTATTTGGTGTATACACAGAGTACCTGGCCCTG 841  
QY 481 GCAGTGTACAGAGCTCTCTGCTGAATTTATCTCTATGAGAGTGAAGAGTTTGAAG 540  
DB 842 GCAGTGTACAGAGCTCTCTGCTGAATTTATCTCTATGAGAGTGAAGAGTTTGAAG 901  
QY 541 ACTCTTTGAGTGTCTTTTACCCAGAGATACAGTATAGTGTGAGGATTTCCACT 600  
DB 902 ACTCTTTGAGTGTCTTTTACCCAGAGATACAGTATAGTGTGAGGATTTCCACT 961  
QY 601 CTGAGATGACCATCTCTGCTGCTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 660  
DB 662 CTGAGATGACCATCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1021  
QY 661 GGAATCATCAAAAGCTGCTGAGAGTCCAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAG 720  
DB 1022 GGAATCATCAAAAGCTGCTGAGAGTCCAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAG 1081  
QY 721 ATTTTGTATATGAGGCTGTTTTCATTTTGTGACACCTTACATGTGGTATCTT 780  
DB 1082 ATTTTGTATATGAGGCTGTTTTCATTTTGTGACACCTTACATGTGGTATCTT 1141  
QY 781 CTCTCTCTATCAATCAATCTTATTTGAAATGAGTGTGAGGAGGAGCAATCTGGAG 840  
DB 1142 CTCTCTCTATCAATCAATCTTATTTGAAATGAGTGTGAGGAGGAGCAATCTGGAG 1201  
QY 841 CTGCTCATGCTGTGAGAGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTG 900  
DB 1202 CTGCTCATGCTGTGAGAGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTG 1261  
QY 901 TACGCTTTTGTGAGAGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTG 960  
DB 1262 TACGCTTTTGTGAGAGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTG 1321  
QY 961 CTCTCATGCTGTGAGAGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTG 1020  
DB 1322 CTCTCATGCTGTGAGAGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTG 1381  
QY 1021 TCTGTCTCTCATCAACAGAGAGCGGAACTCTATTTGTGTTT 1065  
DB 1382 TCTGTCTCTCATCAACAGAGAGCGGAACTCTATTTGTGTTT 1426

RESULT 3  
US-08-012-988A-1  
Sequence 1, Application US/08012988A  
Patent No. 5652133  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: Murphy, Philip M.  
TITLE OF INVENTION: Cloning and Expression of Human  
TITLE OF INVENTION: Macrophage Inflammatory Protein-1 alpha (MIP-1  
NUMBER OF SEQUENCES: 2  
CORRESPONDENCE ADDRESS:  
ADDRESSEE: Townsend and Townsend Kourile and Crek  
STREET: One Market Plaza, Steuart Tower, Suite 2000  
CITY: San Francisco  
STATE: California  
COUNTRY: USA  
ZIP: 94610  
COMPUTER READABLE FORM:  
MEDIUM TYPE: Floppy disk  
COMPUTER: IBM PC compatible

OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
SOFTWARE: Patentlin Release #1.0, Version #1.25  
CURRENT APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US/08/012,988A  
FILING DATE: 19930128  
CLASSIFICATION: 435  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Weber, Kenneth A.  
REGISTRATION NUMBER: 31,677  
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 15280-118  
TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: 415-543-9600  
TELEFAX: 415-543-5043  
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 2156 base pairs  
TYPE: NUCLEIC ACID  
STRANDEDNESS: Single  
TOPOLOGY: Linear  
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
FEATURE:  
NAME/KEY: primer\_bind  
LOCATION: 259..275  
FEATURE:  
NAME/KEY: primer\_bind  
LOCATION: 259..275  
FEATURE:  
NAME/KEY: complement (868..884)  
LOCATION:  
NAME/KEY: CDS  
LOCATION: 63..1128  
US-08-012-988A-1

Query Match 50.8%; Score 540.8; DB 1; Length 2156;  
Best Local Similarity 69.3%; Pred. No. 3.4e-140;  
Matches 737; Conservative 0; Mismatches 327; Indels 0; Gaps 0;  
QY 1 ATGACACCTCACTAGATACAGTTGAGACCTTTGGTACACATCTTATATGATGACGTG 60  
DB 63 ATGGAACCTCAACAAACACAGAGAGTATGACACGACACAGATTTGATGAGGAGT 122  
QY 61 GGCCTGCTGTGTAAGAAAGCTGATACAGAGCAGTATGAGGAGTGTGAGGAGGAGT 120  
DB 123 GCACTCCCTGTCAGAGAGTGAAGAGAGGCTTTGGGAGCCCACTGCTGCCCTCTG 182  
QY 121 TACTCCCTGCTGCTCACTGTGAGGCTCTTGGGCAATGTGTGTGATGATCTCTATA 180  
DB 183 TACTCCCTGCTGCTCACTGTGAGGCTCTTGGGCAATGTGTGTGATGATCTCTATA 242  
QY 181 AATACAGAGAGCTCCGAATATGACCAACATCTTACCTGCTCAACTGGCATTTGGAG 240  
DB 243 CAATACAGAGAGCTCAAAACATGACAGACATCTTACCTGCTCAACTGGCATTTGGAG 302  
QY 241 CTGCTCTCTGCTGCAACCTGCTCACTTCTGATTCAGATGATGATGATGATGATG 300  
DB 303 CTGCTCTCTGCTGCAACCTGCTCACTTCTGATTCAGATGATGATGATGATGATG 362  
QY 301 TTGGCCATGGCATGTGAAGCTCTCCAGGGTTTATACACAGAGCTGTACAGCGAG 360  
DB 363 TTGGCCATGGCATGTGAAGCTCTCCAGGGTTTATACACAGAGCTGTACAGCGAG 422  
QY 361 ATCTTTTATATATCTCTGTGCAATTCACAGAGTACCTGGCCATGTGTCTGTGT 420  
DB 423 ATCTTTTATATATCTCTGTGCAATTCACAGAGTACCTGGCCATGTGTCTGTGT 482  
QY 421 GCCCTTCGAGCCGGAGCTGCTATTTGGTGTATACACAGAGTACCTGGCCCTG 480  
DB 483 GCCCTTCGAGCCGGAGCTGCTATTTGGTGTATACACAGAGTACCTGGCCCTG 542  
QY 481 GCAGTGTACAGAGCTCTCTGCTGAATTTATCTCTATGAGAGTGAAGAGTTTGAAG 540  
DB 543 GCAGTGTACAGAGCTCTCTGCTGAATTTATCTCTATGAGAGTGAAGAGTTTGAAG 602  
QY 541 ACTCTTTGAGTGTCTTTTACCCAGAGATACAGTATAGTGTGAGGATTTCCACT 600